

REPORT

969

01A A N A A N N O O A O A O A D O A N U A O A A A

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 67 68 69 70 71 72 73 74 75 76 77 78 79 80 81 82 83 84 85 86 87 88 89 90 91 92 93 94 95 96 97 98 99 100 101 102 103 104 105 106 107 108 109 110 111 112 113 114 115 116 117 118 119 120 121 122 123 124 125 126 127 128 129 130 131 132 133 134 135 136 137 138 139 140 141 142 143 144 145 146 147 148 149 150 151 152 153 154 155 156 157 158 159 160 161 162 163 164 165 166 167 168 169 170 171 172 173 174 175 176 177 178 179 180 181 182 183 184 185 186 187 188 189 190 191 192 193 194 195 196 197 198 199 200 201 202 203 204 205 206 207 208 209 210 211 212 213 214 215 216 217 218 219 220 221 222 223 224 225 226 227 228 229 230 231 232 233 234 235 236 237 238 239 240 241 242 243 244 245 246 247 248 249 250 251 252 253 254 255 256 257 258 259 260 261 262 263 264 265 266 267 268 269 270 271 272 273 274 275 276 277 278 279 280 281 282 283 284 285 286 287 288 289 290 291 292 293 294 295 296 297 298 299 300 301 302 303 304 305 306 307 308 309 310 311 312 313 314 315 316 317 318 319 320 321 322 323 324 325 326 327 328 329 330 331 332 333 334 335 336 337 338 339 340 341 342 343 344 345 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 356 357 358 359 360 361 362 363 364 365 366 367 368 369 370 371 372 373 374 375 376 377 378 379 380 381 382 383 384 385 386 387 388 389 390 391 392 393 394 395 396 397 398 399 400 401 402 403 404 405 406 407 408 409 410 411 412 413 414 415 416 417 418 419 420 421 422 423 424 425 426 427 428 429 430 431 432 433 434 435 436 437 438 439 440 441 442 443 444 445 446 447 448 449 450 451 452 453 454 455 456 457 458 459 460 461 462 463 464 465 466 467 468 469 470 471 472 473 474 475 476 477 478 479 480 481 482 483 484 485 486 487 488 489 490 491 492 493 494 495 496 497 498 499 500 501 502 503 504 505 506 507 508 509 510 511 512 513 514 515 516 517 518 519 520 521 522 523 524 525 526 527 528 529 530 531 532 533 534 535 536 537 538 539 540 541 542 543 544 545 546 547 548 549 550 551 552 553 554 555 556 557 558 559 560 561 562 563 564 565 566 567 568 569 570 571 572 573 574 575 576 577 578 579 580 581 582 583 584 585 586 587 588 589 590 591 592 593 594 595 596 597 598 599 600 601 602 603 604 605 606 607 608 609 610 611 612 613 614 615 616 617 618 619 620 621 622 623 624 625 626 627 628 629 630 631 632 633 634 635 636 637 638 639 640 641 642 643 644 645 646 647 648 649 650 651 652 653 654 655 656 657 658 659 660 661 662 663 664 665 666 667 668 669 670 671 672 673 674 675 676 677 678 679 680 681 682 683 684 685 686 687 688 689 690 691 692 693 694 695 696 697 698 699 700 701 702 703 704 705 706 707 708 709 710 711 712 713 714 715 716 717 718 719 720 721 722 723 724 725 726 727 728 729 730 731 732 733 734 735 736 737 738 739 740 741 742 743 744 745 746 747 748 749 750 751 752 753 754 755 756 757 758 759 760 761 762 763 764 765 766 767 768 769 770 771 772 773 774 775 776 777 778 779 780 781 782 783 784 785 786 787 788 789 790 791 792 793 794 795 796 797 798 799 800 801 802 803 804 805 806 807 808 809 810 811 812 813 814 815 816 817 818 819 820 821 822 823 824 825 826 827 828 829 830 831 832 833 834 835 836 837 838 839 840 841 842 843 844 845 846 847 848 849 850 851 852 853 854 855 856 857 858 859 860 861 862 863 864 865 866 867 868 869 870 871 872 873 874 875 876 877 878 879 880 881 882 883 884 885 886 887 888 889 890 891 892 893 894 895 896 897 898 899 900 901 902 903 904 905 906 907 908 909 910 911 912 913 914 915 916 917 918 919 920 921 922 923 924 925 926 927 928 929 930 931 932 933 934 935 936 937 938 939 940 941 942 943 944 945 946 947 948 949 950 951 952 953 954 955 956 957 958 959 960 961 962 963 964 965 966 967 968 969 970 971 972 973 974 975 976 977 978 979 980 981 982 983 984 985 986 987 988 989 990 991 992 993 994 995 996 997 998 999 1000 1001 1002 1003 1004 1005 1006 1007 1008 1009 1010 1011 1012 1013 1014 1015 1016 1017 1018 1019 1020 1021 1022 1023 1024 1025 1026 1027 1028 1029 1030 1031 1032 1033 1034 1035 1036 1037 1038 1039 104

A row of 24 small, stylized figures, possibly representing a sequence of events or a timeline. The figures are arranged horizontally and vary in shape and size, suggesting a progression or a series of related events.

Fig 2. cont.

210 215 220 222 225 228 232
C N V N H K P S N T K V D K K V E P K S
TGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCT 778
HINGE⇒

235 240 245 250
C D K T H T C P P C P A P E L L G G P S
TGTGACAAAACCTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCA 838
C_H2⇒

255 260 265 270
V F L F P P K P K D T L M I S R T P E V
GTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTC 898

275 280 285 290 292
T C V V V D V S H E D P E V K F N W Y V
ACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTG 958

295 299 300 305 310 314 317
D G V E V H N A K T K P R E E Q Y N S T
GACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACG 1018

320 325 330 335
Y R V V S V L T V L H Q D W L N G K E Y
TACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTAC 1078

340 345 350 355 357
K C K V S N K A L P A P I E K T I S K A
AAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCC 1138

360 363 365 370 375 378 381
K G Q P R E P Q V Y T L P P S R D E L T
AAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACC 1198
C_H3⇒

385 390 395 400 402
K N Q V S L T C L V K G F Y P S D I A V
AAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTG 1258

405 408 410 414 415 420 425
E W E S N G Q P E N N Y K T T P P V L D
GAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGAC 1318

430 433 435 440 445 450
S D G S F F L Y S K L T V D K S R W Q Q
TCCGACGGCTCCTTCTTCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG 1378

455 460 465 470
G N V F S C S V M H E A L H N H Y T Q K
GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAG 1438

475
S L S L S P G K *
AGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGAGTGCGACGGCCGGCAAGCCCCCGCTCCCCGGGC 1498

TCTCGCGGTGCGACGAGGATGCTTGGCACGTACCCCGTGTACATACTTCCCGGGCGCCCA 1558

GCATGGAAATAAAGCACCCAGCGCTGCCCTGGGCCCCTGCGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1617

Fig.2.

-19

TCTAAAGAAGCCCCTGGGAGCACAGCTCATCACCATGGACTGGACCTGGAGGTTTCCTC 58
M D W T W R F L
SIGNAL⇒

1 5
F V V A A A T G V Q S Q M Q V V Q S G A
TTTGTGGTGGCAGCAGCTACAGGTGTCCAGTCCCAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCT 118
FR1⇒

10 15 20 25
E V K K P G S S V T V S C K A S G G T F
GAAGTAAAGAAGCCTGGGTCCTCGGTGACGGTCTCCTGCAAGGCATCTGGAGGCACCTTC 178

30 31 32 33 34 35 40 45
S N Y A I S W V R Q A P G Q G L E W M G
AGCAACTATGCTATCAGCTGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGA 238
CDR1⇒ FR2⇒

50 51 52 a 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65
G I I P L F G T P T Y S Q N F Q G R V T
GGGATCATCCCTCTTTTGGTACACCAACCTACTCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACG 298
CDR2⇒ FR3⇒

70 75 80 82 a b c 83 85
I T A D K S T S T A H M E L T S L R S E
ATTACCGCGGACAAATCCACCAGCACAGCCACATGGAGCTGACTAGCCTGAGATCTGAG 358

90 95 96 97 98 99 100 a b c d e
D T A V Y Y C A T D R Y R Q A N F D R A
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGACAGATCGCTACAGGCAGGCAAATTTTGACCGGGCC 418
CDR3⇒

f g h i k 101 102 105 110 115
R V G W F D P W G Q G T L V T V S S A S
CGGGTTGGCTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCC 478
FR4⇒ C_H1⇒

120 125 130 133 135
T K G P S V F P L A P S S K S T S G G T
ACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACA 538

140 145 150 154 156 162
A A L G C L V K D Y F P E P V T V S W N
GCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAAC 598

165 169 171 175 180 182
S G A L T S G V H T F P A V L Q S S G L
TCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTC 658

185 190 195 200 203 205
Y S L S S V V T V P S S S L G T Q T Y I
TACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATC 718

Fig 3

-19

M A W A L L L L T
CAAGAGGCAGCGCTCTCGGGACGTCTCCACCCATGGCCTGGGCTCTGCTGCTCCTCACC 58
SIGNAL⇒

1 5 9 11
L L T Q D T G S W A Q S A L T Q P A S V
CTCCTCACTCAGGACACAGGGTCCTGGGCCCAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTG 118
FR1⇒

15 20 24 25 26 27 d e f 28
S G S P G Q S I T I S C T G T N N D V G
TCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAACAATGATGTTGGG 178
CDR1⇒

29 30 31 32 33 34 35 40 45
S Y N L V S W Y Q Q H P G K A P K I M I
AGTTATAACCTTGTCTCCTGGTACCAGCAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAATCATGATT 238
FR2⇒

50 51 52 53 54 55 56 60 65
Y E V S K R P S G V S N R F S G S K S G
TATGAGGTCAGTAAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGC 298
CDR2⇒ FR3⇒

70 75 80 85
N T A S L T I S G L Q A E D E A D Y Y C
AACACGGCCTCCCTGACAATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGC 358

89 90 91 92 93 94 95 a 96 97 100 106 a
C S Y A G S Y T V V F G G G T K L T V L
TGCTCATATGCAGGTAGTTACACTGTGGTTTTCGGCGGAGGGACCAACTGACCGTCCTA 418
CDR3⇒ FR4⇒

107 110 115 120 125
G Q P K A A P S V T L F P P S S E E L Q
GGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAA 478
C_λ⇒

130 135 140 145
A N K A T L V C L I S D F Y P G A V T V
GCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAGTG 538

150 155 160 165
A W K A D S S P V K A G V E T T T P S K
GCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACCCTCCAAA 598

168 170 175 180 185
Q S N N K Y A A S S Y L S L T P E Q W K
CAAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGCAGTGGAAG 658

190 195 200 203 205
S H R S Y S C Q V T H E G S T V E K T V
TCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGACAGTG 718

	d	e	f	30	40	50	CDR2
	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
Human	AGCATTAGCAATTA	TTAAAT	TGGTATCAACAGAA	CCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTTG			
CynoK1	G-----G-----G-----G-----G-----T-----						
CynoK2	G-----C-----G-----G-----G-----TA-----AA-----						
CynoK4	---C-----G-----G-----ATT-----AGG-----						
CynoK5							
CynoK9	G-----G-----G-----G-----A-----T-----						
CynoK12	GA-----A-----GTC-----G-----						
CynoK14							A-----
CynoK15	G---C-----G-----G-----G-----C---C-T---T---AG-TT---ACCG---						
CynoK18	G-----A-----GCC-----G-----G-----A-----AAG-----C-----						
CynoK20	G-----A-----GCC-----G-----G-----CA-----A-----						
Rabbit	-A---TA---GC-C---GCC-----G-----C-GC-T-C---G---C-C---						
Mouse	TCAAGCAAACA-AAGTGC-C-C-GGC-----C-GA-----A-C-T-T---A-G---A-C-GG---ACCGA						

	60	70	80
Human	CAAAGTGGGTCACATCAAGGTTCAAGTGGCAGTGATCTGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTCTGCA		
CynoK1	-----A-TC-C--TC-----C-----T-----C-----G-----		
CynoK2	GC-----C-----C-----A-----C-----C-----G-----		
CynoK4	-----A-TC-C--TC-----C-----G-----T-----C-----G-----T-----		
CynoK5	-----C-----GAC-----C-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----AA-----G-----GG-----G-----GT-----GG-----		
CynoK9	-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----		
CynoK12	-----GA-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----T-----C-----A-----T-----ATCC-----G-----G-----C-----G-----		
CynoK14	GCCTC-----A-----C-----GAC-----G-----G-----AC-----T-----T-----A-----C-----AA-----AG-----G-----GG-----G-----GT-----GG-----		
CynoK15	-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK18	G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK20	G-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----T-----		
Rabbit	GC-TC-----C-----GC-----AA-----A-----A-----G-----A-----G-----CG-----G-----G-----G-----G-----		
Mouse	T-C-T-----C-----TGATC-----C-----CA-----T-----G-----G-----A-----GGT-----CCTCA-----		

CDR3

	90	95 a	100
Human	ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCTG	ATCACCTTCGGCCCAAGGACACGACTGGAGATTAA	
CynoK1	GT---T-----C-C---T---GA---C-	TA---GT---T-----G-----CAA-G---C---C---CGA	
CynoK2	-----T-----G---A-T---TA---CT	C---T-----GG-----CAAGG-----C---CGA	
CynoK4	-----T-----G---T-A---TG-----CT	C---T-----GG-----CAAGG-----C---CGA	
CynoK5	GT---T-----CATG---AGC-CTTC-GT-T-CT	TGG-G---G-----CAAGG-----A---C-G-CGA	
CynoK9	-----T-----T-----G-----TG-----C-	TA---GT---T-----G-----CAA-G---C---CGA	
CynoK12	GA-----T-----C-A-G---T-T-CT	CGG-G---G-----CAAGG-----A---C---CGA	
CynoK14	GT---T-----CATG---ATA-ACACAC-TT-CA	T---T-----CC-----CAA---T---C---CGA	
CynoK15	-----T-----CG-----TA-A-T-C-TA---CA	TA---GT---T-----G-----CAA-G---C---CGA	
CynoK18	-----T-----GA-A-----TAT-CT	T---T-----GG-----CAAGG-----C---CGA	
CynoK20	-----T-----T-----ATA-A-T---TA---CT	CCG-G---G-----CAAGG-----A---C---CGA	
Rabbit	-----C-----T-GGC---G-T---GTAGCGAT-CTG-T	-----GG-----CGAG-----CCT-TGT	
Mouse	CA---T-----GC---TT-----CTAT-CT	C---G---TGCT-----CAAG-----C-G---CGG	

CDR2[illegible]

Fig. 6

	110	120	130
Human	ACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACCTGCCCTCTGTTGTGCTGCTGAATAAC		
Cynomolgus	G-----G-----G-T-----G-----T-----		
Rabbit	GA-CCAAT---G-TA---C-C---A-----A-----C-A---A-T-A-CA-C-----G-GCA-----A		
Mouse	G---AT-----A---A-C-----A-CAG-----A-C-----GG-----A-C-----T-CT-----C-----		
	140	150	160
Human	TTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGC		
Cynomolgus	-----GC-----A-----GGT-----A---A-----		
Rabbit	---CG-----AT---CAT---CC---CACC-----G---AAA-----CA-A-CGG-AT-G---A-C---ACA---CC---AG-CC-		
Mouse	-----C-----A---CAT---T---CA-----A-T---GG-AGTGAA-G-CAAAA-GG-GT---T-A-C---TGG---T---T-----		
	170	180	190
Human	AAGGACAGCACCCTACAGCCTCAGCAGCACCTGACGCTGAGCAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCCGAAGTCACCCCAT		
Cynomolgus	-----A-----G-----GCA-A-----C---GT-----T-----T-----		
Rabbit	G-A---T-T-----A-----T---T-A---C-----C-G---A-C-GC---GC---G---A-----G---GGT-		
Mouse	--A-----A-G-----C---T---C---G-AC---G---T---ACG---T---CAG---TA---T---G-C---T---C-----		
	200	210	
Human	CAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG		
Cynomolgus	-----C-----		
Rabbit	--CAA-TC-G---AG-GA---GTCC-----T-----T---C-----		
Mouse	A--ACATCA-CT--A---A-TGTC-----AAT-----		

Fig. 7.

[illegible]

Fig. 2.

-19

M D W T W R F L

TCTAAAGAAGCCCCTGGGAGCACAGCTCATCACCATGGACTGGACCTGGAGGTTTCCTC 58
SIGNAL⇒

1 5
F V V A A A T G V Q S Q M Q V V Q S G A
TTTGTGGTGGCAGCAGCTACAGGTGTCCAGTCCCAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCT 118
FR1⇒

10 15 20 25
E V K K P G S S V T V S C K A S G G T F
GAAGTAAAGAAGCCTGGGTCTCGGTGACGGTCTCCTGCAAGGCATCTGGAGGCACCTTC 178

30 31 32 33 34 35 40 45
S N Y A I S W V R Q A P G Q G L E W M G
AGCAACTATGCTATCAGCTGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGA 238
CDR1⇒ FR2⇒

50 51 52 a 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65
G I I P L F G T P T Y S Q N F Q G R V T
GGGATCATCCCTCTTTTGGTACACCAACCTACTCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACG 298
CDR2⇒ FR3⇒

70 75 80 82 a b c 83 85
I T A D K S T S T A H M E L T S L R S E
ATTACCGCGGACAAATCCACCAGCACAGCCACATGGAGCTGACTAGCCTGAGATCTGAG 358

90 95 96 97 98 99 100 a b c d e
D T A V Y Y C A T D R Y R Q A N F D R A
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGACAGATCGCTACAGGCAGGCAAATTTTGACCGGGCC 418
CDR3⇒

f g h i k 101 102 105 110 115
R V G W F D P W G Q G T L V T V S S A S
CGGGTTGGCTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCC 478
FR4⇒ C_H1⇒

120 125 130 133 135
T K G P S V F P L A P S S K S T S G G T
ACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACA 538

140 145 150 154 156 162
A A L G C L V K D Y F P E P V T V S W N
GCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAAC 598

165 169 171 175 180 182
S G A L T S G V H T F P A V L Q S S G L
TCAGGCGCCCTGACCAGCGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTC 658

185 190 195 200 203 205
Y S L S S V V T V P S S S L G T Q T Y I
TACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATC 718

Fig 2. cont.

210 215 220 222 225 228 232
C N V N H K P S N T K V D K K V E P K S
TGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCT 778
HINGE⇒

235 240 245 250
C D K T H T C P P C P A P E L L G G P S
TGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCA 838
C_H2⇒

255 260 265 270
V F L F P P K P K D T L M I S R T P E V
GTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTC 898

275 280 285 290 292
T C V V V D V S H E D P E V K F N W Y V
ACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTG 958

295 299 300 305 310 314 317
D G V E V H N A K T K P R E E Q Y N S T
GACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACG 1018

320 325 330 335
Y R V V S V L T V L H Q D W L N G K E Y
TACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTAC 1078

340 345 350 355 357
K C K V S N K A L P A P I E K T I S K A
AAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCC 1138

360 363 365 370 375 378 381
K G Q P R E P Q V Y T L P P S R D E L T
AAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACC 1198
C_H3⇒

385 390 395 400 402
K N Q V S L T C L V K G F Y P S D I A V
AAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTG 1258

405 408 410 414 415 420 425
E W E S N G Q P E N N Y K T T P P V L D
GAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGAC 1318

430 433 435 440 445 450
S D G S F F L Y S K L T V D K S R W Q Q
TCCGACGGCTCCTTCTTCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG 1378

455 460 465 470
G N V F S C S V M H E A L H N H Y T Q K
GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAG 1438

475
S L S L S P G K *
AGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGAGTGCGACGGCCGGCAAGCCCCCGCTCCCCGGGC 1498

TCTCGCGGTGCGACGAGGATGCTTGGCACGTACCCCGTGTACATACTTCCCGGGCGCCCA 1558

GCATGGAAATAAAGCACCCAGCGCTGCCCTGGGCCCCCTGCGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1617

FIG 3

-19

CAAGAGGCAGCGCTCTCGGGACGTCTCCACCATGGCCTGGGCTCTGCTGCTCCTCACC 58
SIGNAL⇒

L L T Q D T G S W A Q S A L T Q P A S V
CTCCTCACTCAGGACACAGGGTCCTGGGCCCAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTG 118
FR1⇒

S G S P G Q S I T I S C T G T N N D V G
TCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAACAATGATGTTGGG 178
CDR1⇒

S Y N L V S W Y Q Q H P G K A P K I M I
AGTTATAACCTTGTCTCCTGGTACCAGCAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAATCATGATT 238
FR2⇒

Y E V S K R P S G V S N R F S G S K S G
TATGAGGTCAGTAAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGC 298
CDR2⇒ FR3⇒

N T A S L T I S G L Q A E D E A D Y Y C
AACACGGCCTCCCTGACAATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGC 358

C S Y A G S Y T V V F G G G T K L T V L
TGCTCATATGCAGGTAGTTACACTGTGGTTTTCGGCGGAGGGACCAAACCTGACCGTCCTA 418
CDR3⇒ FR4⇒

G Q P K A A P S V T L F P P S S E E L Q
GGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAA 478
C₁⇒

A N K A T L V C L I S D F Y P G A V T V
GCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAGTG 538

A W K A D S S P V K A G V E T T T P S K
GCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACCCTCCAAA 598

Q S N N K Y A A S S Y L S L T P E Q W K
CAAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGCAGTGGAAG 658

S H R S Y S C Q V T H E G S T V E K T V
TCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGACAGTG 718

Fig 3. cont.

210 215
A P T E C S *
GCCCCTACAGAATGTTTCATAGGTTCTAAACCCTCACCCCCCCCCACGGGAGACTAGAGCTG 778
CAGGATCCCAGGGGAGGGGTCTCTCCTCCCACCCCAAGGCATCAAGCCCTTCTCCCTGCA 838
CTCAATAAACCTCAATAAATATTCTCATTGTCAATCACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 898
AAAA 902

Fig. 4

CDR1

	10	20	27 a b c
Human	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCTGTCTGTCATCTGTAGGAGACAGAGTCACTTGCCGGGCAAGTCAG		
CynoK1	-----T-----C-----T-----G-----C-----A-----		
CynoK2	-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----G-----A-----		
CynoK4	-----T-----C-----CT-----C-----TCAG-C-T-----GTCG-C-T-----T-C-----		
CynoK5	-----T-----C-----T-----G-----C-----C-----A-----		
CynoK9	-----T-----C-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----		
CynoK12	-----T-----C-----T-----TC-----A-----T-----G-----		
CynoK14	-----T-----C-----G-----C-----C-----T-----		
CynoK15	-----T-----C-----G-----G-----G-----C-----G-----		
CynoK18	-----T-----C-----G-----G-----G-----C-----G-----		
CynoK20	-----T-----C-----G-----G-----G-----C-----G-----		
Rabbit	-----T-----C-----G-----G-----G-----C-----G-----		
Mouse	-----T-----C-----G-----G-----G-----C-----G-----		

CDR2

	30	40	50
Human	AGCATTAGCAATTATTAAATTGGTATCAACAGAAAGCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTTG		
CynoK1	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK2	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK4	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK5	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK9	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK12	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK14	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK15	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK18	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK20	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
Rabbit	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
Mouse	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		

	60	70	80
Human	CAAAGTGGGTCACATCAAGGTTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGCTGCAACCTGAAGATTCTGCA		
CynoK1	-----A-TC-C--TC-----C-----T-----C-----G-----		
CynoK2	GC-----C-----C-----A-----C-----G-----		
CynoK4	-----A-TC-C--TC-----C-----G-----T-----C-----T-----G-----		
CynoK5	-----C-----GAC-----C-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----AA-----G-----GG-----G-----GT-----GG-----		
CynoK9	-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----A-----C-----A-----T-----ATCC-----G-----G-----C-----G-----G-----		
CynoK12	-----GA-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----AC-----T-----T-----A-----C-----AA-----AG-----G-----GG-----G-----GT-----GG-----		
CynoK14	-----GCCTC-----A-----C-----GAC-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----GT-----GG-----		
CynoK15	-----C-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK18	G-----C-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
CynoK20	G-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----		
Rabbit	GC-TC-----C-----GC-----AA-----A-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----		
Mouse	T-C-T-----C-TGATC-C-----CA-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----CCTCA-----		

CDR3

	90	95 a	100
Human	ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCTG	ATCACCTTCGGCCCAAGGACACGACTGGAGATTAA	
CynoK1	GT-----T-----C-C-----T-----GA-----C-----	TA-----GT-----T-----G-----CAA-----G-----C-----C-----CGA	
CynoK2	-----T-----T-----G-----A-----T-----TA-----CT	C-----T-----T-----GG-----CAAGG-----C-----C-----CGA	
CynoK4	-----T-----G-----T-----A-----TG-----CT	C-----T-----T-----GG-----CAAGG-----C-----C-----CGA	
CynoK5	GT-----T-----CATG-----AGC-CTTC-GT-T-CT	TGG-----G-----CAAGG-----A-----C-----G-----CGA	
CynoK9	-----T-----T-----G-----G-----TG-----C-----	TA-----GT-----T-----G-----CAA-----G-----C-----CGA	
CynoK12	GA-----T-----T-----C-----A-----G-----T-----T-CT	CGG-----G-----CAAGG-----A-----C-----CGA	
CynoK14	GT-----T-----CATG-----ATA-ACACAC-TT-CA	T-----T-----T-----CC-----CAA-----T-----C-----CGA	
CynoK15	-----T-----CG-----TA-----A-----T-----C-----TA-----CA	TA-----GT-----T-----G-----CAA-----G-----C-----CGA	
CynoK18	-----T-----T-----GA-----A-----T-----TAT-CT	T-----T-----T-----GG-----CAAGG-----C-----C-----CGA	
CynoK20	-----T-----T-----ATA-----A-----T-----TA-----CT	CCG-----G-----CAAGG-----A-----C-----CGA	
Rabbit	-----C-----T-----GGC-----G-----T-----GTAGCGAT-CTG-T-----GG-----CGAG-----CCT-TGT		
Mouse	CA-----T-----GC-----TT-----CTAT-CT	C-----G-----TGCT-----CAAG-----C-----G-----CGG	

CDR1

[illegible]

CDR2

[illegible]

Fig. 5. cont.

	CDR3									
	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
Human	T	Y	C	Q	Q	S	Y	S	T	L
CynoK1	V	-	-	-	H	T	-	-	D	P
CynoK2	-	-	-	-	-	G	N	-	Y	P
CynoK4	-	-	-	-	H	N	-	G	-	P
CynoK5	V	-	-	-	M	-	A	L	R	S
CynoK9	-	-	-	-	L	-	G	-	P	P
CynoK12	D	-	-	-	L	-	T	K	-	S
CynoK14	V	-	-	-	M	-	Y	T	H	I
CynoK15	-	-	-	-	E	-	Y	N	T	Y
CynoK18	-	-	-	-	-	-	D	N	-	Y
CynoK20	-	-	-	-	L	-	Y	N	-	Y
Rabbit	-	-	-	-	L	G	-	D	-	S
Mouse	H	-	-	-	A	-	F	-	-	Y

	110	120	130
Human	ACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTGTGTGCTGCTGAATAAC		
Cynomolgus	G-----G-----G-T-G-----T-----		
Rabbit	GA-CCAAT--G-TA---C-C-----A-----C-A--A-T-A-CA-C-----G-GCA---A		
Mouse	G---AT-----A---A-C-----A-CAG-----A-C-----GG-----A-C-----T-CT---C---		
	140	150	160
Human	TTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAAC		
Cynomolgus	-----GC---A-----A-----GGT-----A--A-----		
Rabbit	---CG-----AT--CAT--CC--CACC-----G---AAA-----CA-A-CGG-AT-G--A-C---ACA---CC---AG-CC-		
Mouse	-----C-----A--CAT--T--CA-----A-T---GG-AGTGAA-G-CAAA-GG-GT--T-A-C---TGG--T--T-----		
	170	180	190
Human	AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCCTGACGCTGAGCAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGTCACCCAT		
Cynomolgus	-----A-----G-----GCA-A-----C---GT-----T-----T-----		
Rabbit	G-A---T-T-----A-----T-A-----C-----C-G---A-C-GC---GC--G--A-----G-GGT-		
Mouse	--A-----A-G-----C---T---C---G-AC--G--T--ACG---T--CAG---TA-----T-G-C---T-C-		
	200	210	
Human	CAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTTAG		
Cynomolgus	-----C-----		
Rabbit	--CAA-TC-G---AG-GA--GTCC-----T-----T-C-----		
Mouse	A--ACATCA-CT--A---A-TGTC-----AAT-----		

Fig. 7.

	110	120	130	140	150	
Human	T V A A P S V F I F P P S D E Q L K S G T A S V C L L N N F Y P R E A K V Q W L V D N A					
Cynomolgus	A - - - - -	- E D - - -	- V - - -	- - - - -	- K - - -	- G -
Rabbit	D P I - - - T - L L - - -	- A D - - -	- T E - V T I - - -	- - - - -	- K - - -	- D E
Mouse	A D - - - T - S - - -	- S - - -	- - - - -	- - - - -	- K T K I -	- G S
	160	170	180	190		
Human	L Q S G N S Q E S V T Q Q D S K D S T Y S L S S T L T L S K A D Y E K H K L Y A C E V T H					
Cynomolgus	- K T D - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - -
Rabbit	I - Q S G I E N - T - P - S P E - C - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - -
Mouse	E R Q N G V L N - W - D - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - -
	200	210				
Human	Q G L S S P V T K S F N R G E C					
Cynomolgus	- - - - -	- - - - -				
Rabbit	N S G - A I V Q - - - - D -					
Mouse	K T S T - - I V - - - - N -					